云 南 植 物 研 究 1996; **18** (1): 81～86
Acta Botanica Yunnanica

金沙江中游地区红山茶组植物的 Giemsa C-带研究 *

肖调江 夏丽芳 王仲朗
（中国科学院昆明植物研究所，昆明 650204）

摘要 研究了金沙江中游地区红山茶组植物的 Giemsa C-带。该地区的红山茶植物以四倍体为主，个别居群为二倍体或六倍体。居群间的 C-带差异明显，C-带多出现在染色体端部。在四倍体和六倍体的 C-带带型中，只能找到 2 条显相同 C-带的同源染色体，通过与其它地区的红山茶植物进行比较，发现红山茶组植物的倍性从华东，华南经贵州，四川向云南逐渐增高，显 C-带的染色体与染色体总数之比随倍性增加而减少。文中指出华东或华南可能是红山茶组植物的起源地，而金沙江中游地区是其现代分化中心，这一地区红山茶的多倍体类群可能是异源起源的。
关键词 金沙江，红山茶组，Giemsa C-带

STUDIES ON THE GIEMSA C-BANDS OF CAMELLIA SPECIES, SECTION CAMELLIA FROM THE MIDDLE REACH OF JINSHAJIANG VALLEY

XIAO Tiao-Jiang, XIA Li-Fang, WANG Zhong-Lang
(*Kunming Instititute of Botany, Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650204)

Abstract Section *Camellia*, belonged to the genus *Camellia*, is distributed in Japan, eastern and soutern parts of China. The results represented here showed that almost all the species of Section *Camellia* in eastern and southern China are diploids, and most of them in the Jinshajiang valley are tetraploids, while those in most parts of Yunnan Province are hexaploids. By using BSG C-banding method, the C-bands among populations studied here were different from each other, which was in accordance with their morphological variation of these populations. For each population, the C-bands showed in the distal region of the chromosomes, and only two of them were detected to be homologous in all chromosomes showing C-bands of tetraploids and hexaploids, however, the number of chromosomes showing C-bandings decrease as the ploidy increase. Compared the results represented here with the data previously reported by other authors, it was found that the ploidy of the species in section *Camellia* gradually increased from southern China and eastern China, via Guizhou, to Sichuan and Yunnan Province. So it was pointed out as follows: Section *Camellia* was originated in the eastern and southern China; Jinshajiang valley was the center of the modern differentiation of section *Camellia;* Both the tetraploid and hexaploid species in section *Camellia* was heterologous.
Key words Jinshajiang valley, Section *Camellia*, Giemsa C-bands

* 云南省科委基金资助项目
1994-11-30 收稿，1995-03-23 修回

红山茶组（Section *Camellia*）是山茶属（*Camellia*）内较大的组之一，已发表的种类超过70种（张宏达，1981，1990；刘恒生等,1991），几乎全产我国，仅有3种达到日本。由于它们重要的观赏价值，一直是广泛研究的对象。迄今为止，大部分地区的种类已报道了染色体数目或核型（Kando，1975；黄少甫等，1984，1986；顾志建等，1988；Xiao等1991；Gu等，1988，1992），少数几个种报道了Giemsa C-带（Kondo等, 1986；Gu等,1992）。但四川境内金沙江中游地区的红山茶植物尚未见有染色体研究的报道。金沙江中游流入四川西南部的高山深谷，至渡口（攀枝花市）与雅砻江会合并折向北流入长江，它的南面是云南高原。这一地区地貌多种多样，气候垂直分带明显，植物种类十分丰富，这里的红山茶植物不仅密度大，而且外部形态变异显著，张宏达(1981,1990)在这一地区发表了21个新种。近几年来，我们对该地区的红山茶植物进行了多次野外考察，从活植物和标本来看，他们的这些分类处理似有不足之处，有待进一步修订和整理。为此，我们对金沙江中游地区的红山茶组植物进行了综合研究。本文是其中的一部分，首次报道了该地区红山茶组植物的Giemsa C-带，并在此基础上对红山茶组植物的可能演化途径进行了讨论。

材料与方法

材料来源见表1，凭证标本存昆明植物所植物园。据夏丽芳等（1994）的综合研究，张宏达等在金沙江中游地区发表的新种的外部形态特征与云南山茶（*Camellia reticulata*）很相似，无论不同居群间的形态差异如何，从统计意义上讲，其变异幅度都没有超出云南山茶形态特征的变异范围。因此，在本文的讨论中我们把它们作为云南山茶的不同居群处理。

表1 材料来源及编号

Table 1 Origin and number of materials studied here

种　名	编　号	产　地	海拔(m)
小宝鼎居群	91-49	渡口小宝鼎	1900～2000
渡口-会理居群	91-55	渡口小宝鼎	2050
会理居群	91-54	会理茶花山	2650～900
东巴湾居群	91-53	盐边国胜东巴湾	1650
青杠板居群	91-64	盐边永兴青杠板	1200
羊窝子居群	91-69	会东羊窝子	2000
红岩居群	91-60	会东红岩	2000
箐河居群	91-66	盐边箐河	1200～1400
罗吉山居群	91-47	西昌罗吉山	2200
牦牛山居群	91-46	西昌牦牛山	2200

新鲜根尖用0.1%的秋水仙素溶液于室温下处理3 h，4℃下用卡诺Ⅰ固定液固定30 min，水洗后用1 mol／L的HCl在60℃下解离1 min，45%醋酸压片，经镜检合格的制片冰冻揭片，置干燥器内干燥24 h以上。

分带采用BSG C-带方法。干燥的制片用5%的$Ba(OH)_2$水溶液于50℃下处理10 min，然后迅速用蒸馏水冲洗，约10 min后把制片转移到2XSSC溶液中，于60℃下保温2 h，蒸馏水冲洗，10 min后用2%的Giemsa(Mark)染色液于室温下染色1～2 h，自来水冲洗，凉干，最后用二甲苯透明约1 h，DPX中性胶封片，拍照。

核型分析采用Levan(1964)的标准，C-带分析按Taniguchi等(1975)的方法，每个居群至少统计10个完整细胞。

观察结果

核型（图版Ⅰ:2），图版Ⅱ：1）

茶花山居群中的二倍体核型为 2n＝30＝16m+12sm+2st；所有四倍体居群的核型差异不大，都为 2n＝4x＝60＝40m+16sm+4st；渡口小宝鼎居群是六倍体，核型为 2n＝90＝48m+36sm+6st.

减数分裂（图版Ⅰ：1）

在减数分裂中期Ⅰ，无论是二倍体还是四倍体或六倍体，一般只形成二价体，且二价体多为环状，每个二价体的平均交叉频率接近 2.0，极少出现四价体或六价体。

Giemsa C–带

小宝鼎居群（图版Ⅰ：4，图版Ⅳ：12），是六倍体。2n＝6x＝90。第 2，3，15，20，21，22，23，24，28，29，35 和 45 对染色体在短臂端部显 C–带，第 12 对染色体在短臂基部显 C–带。共有 24 条染色体显带。

茶花山居群。该居群有两种倍性，从外部形态上很难区分。二倍体（图版Ⅰ：2，图版Ⅱ：5）的第 1，3，7，8，10，14，15 对和第 23，26 和 30 号染色体在短臂端部显 C–带，第 4 对染色体的长臂和短臂都在端部显 C–带，第 24 号染色体在短臂的基部显 C–带，共有 19 条染色体显带，表现出一定杂合性，四倍体（图版Ⅱ：6）的第 4，5，11，12，13，14，18，19 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，共有 20 条染色体显带。

东巴湾居群（图版Ⅳ：10），是四倍体（2n＝60），第 6，7，8，11，12，19，20，21，22，23，29 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，共有 24 条染色体显带。

青杠板居群（图版Ⅲ：9），第 1，2，14 对染色体在长臂和短臂端部都显 C–带，第 3，7，8，13，15，16，17，18，23，24，25 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，共有 30 条染色体显带。

羊窝子居群（图版Ⅲ：7），是四倍体（2n＝60）。第 7，10，11，14，15，16，22，24 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，第 23 对染色体的长臂和短臂都在端部显 C–带, 共有 20 条染色体显带。

红岩居群（图版Ⅰ：7，图版Ⅱ：8），是四倍体（2n＝60）。第 1，2，6，7，8，12，13，14，15，22，23，24，27 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，共有 28 条染色体显带。

箐河居群（图版Ⅰ：5，图版Ⅱ：3），是四倍体（2n＝60）第 2，3，7，8，10，11，16，18，19，24，25，26 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，第 1，5，9，17 和 20 对染色体在长臂和短臂的端部都显带。

罗吉山居群（图版Ⅱ：2），是四倍体（2n＝60）。第 1，3，5，9，10，12，13，15，16，19，20，21，22，23，24，25，27，29 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，第 2，6，14 对染色体的长臂和短臂在端部都显 C–带，共有 46 条染色体显带。

牦牛山居群（图版Ⅰ：6，图版Ⅳ：11），是四倍体（2n＝60）。第 2，3，4，5，6，12，13，14，16，17，22，23，26 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带，第 8，9，24，25 对染色体的长臂和短臂在端部都显 C–带。共有 36 条染色体显带。

渡口–会理居群（图版Ⅱ：4），是四倍体（2n＝60）。第 1，2，3，6，10，11，14，21，22 和 30 对染色体在短臂端部显 C–带, 共有 20 条染色体显带。8，9，24，25 对染色体的长短臂在端部都显 C–带, 共有 36 条染色体显带。

讨 论

（1）从已有的资料来看：日本、山东、江苏、福建、广东和广西的红山茶植物几乎全是二倍体（*C. japonica* 2n＝30; *C. chekiangoleosa* 2n＝30; *C. honkongensis* 2n＝30; *C. edithes* 2n＝30; *C. polyodonta* 2n＝30; *C. semiserrata* 2n＝30;）湖南的红山茶除一种是八倍体（*C. compressa* 2n＝120）（Gu 等，1988）外，其他种类都是二倍体（*C.tunganica* 2n＝30; *C. hunannica* 2n＝30）（Gu 等，1992）。贵州的红山茶多是二倍体（*C. pitardii* 2n＝30），但在与云南邻近的部分地区出现了少量六倍体（*C. cryptoneura* 2n＝90; *C. kweichowensis* 2n＝90）。而云南广泛分布的红山茶以六倍体为主（*C. reticulata* 2n＝90; *C. pitardii* var. *yunnanica* 2n＝90），部分地区的个别种类是二倍体或四倍体（*C. saluenensis* 2n＝30; *C. xylocarpa* 2n＝60）（Kondo 等，1986）。本文的研究表明：在金沙江中游地区的红山茶植物中，会理的茶花山居群有二倍体和四倍体两种倍性，与云南毗邻的渡口小宝鼎出现了六倍体居群，其它产地的9个居群均为四倍体，在这样一个狭小的范围内，出现如此众多的四倍体红山茶，说明该地区的红山茶植物分化相当活跃，现将红山茶植物在各地的倍性分布归纳如图1。

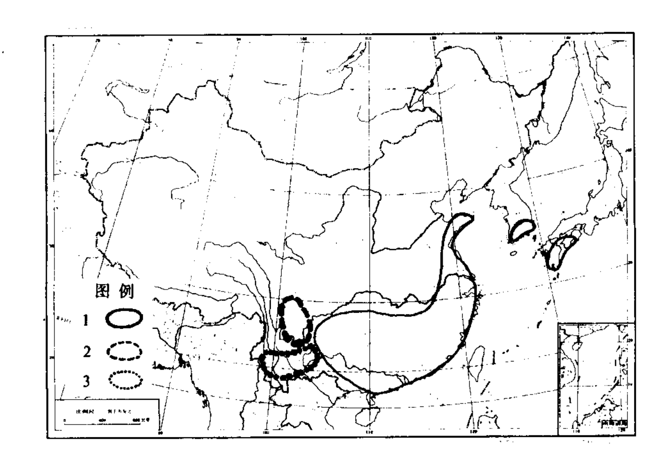


图1 红山茶组植物的倍性分布图 1. 二倍体为主的地区；2. 四倍体为主的地区；3. 六倍体为主的地区

Fig. 1 The ploidy distribution map of Red Camellias in section *Camellia*

1. The area with diploid dominating; 2. The area with tetraploid dominating; 3. The area with hexaploid dominating

从图1可以看出：红山茶组植物的倍性有从华东、华南经贵州、四川向云南逐渐升高的趋势。

张宏达（1981）根据子房毛被的有无将红山茶组分为毛果和光果两大系，并认为子房无毛比较原始。据我们的研究，子房无毛的种类都是二倍体，且这些种类只在华东和华南有分布，而到了西南地区，随着海拔的升高，二倍体、四倍体和六倍体的子房都有毛被出现。从生态意义上讲，这种子房有毛的多倍体的出现可能是对新的而且严酷的生态条件适应的结果。

基于上述理由，我们认为红山茶植物的起源地在华东或华南，金沙江中游地区则是它们的现代分化中心。

（2）金沙江中游地区的红山茶植物不仅表征多变，而且C-带也多变。它们的C-带多出现在长臂或短臂的端部，没有观察到着丝点带。居群之间的C-带带型差异明显，在四倍体中，西昌罗吉山居群显C-带的染色体数最多，达46条，茶花山居群显C-带的染色体数最少，仅18条。从倍性水平看，二倍体显C-带的染色体数与染色体总数的比率最高，然后依次是四倍体，六倍体。各居群显C-带的染色体数

目有随纬度升高而增多，随倍性增高而减少的趋势。一般认为染色体上显 C-带的区域是异染色质存在的部位，异染色质部位的基因通常是不表达的，上述 C-带含量在倍性水平上的变化与形态特征的进化趋势基本一致。因此，居群间的这种 C-带差异可能与各居群的外部形态分化直接有关，或许这就是该地区的红山茶植物形态变异多样化的真正原因。

（3）在各居群显 C-带的染色体中，无论何种倍性，其最后一对小染色体都显 C-带。有趣的是，在四倍体和六倍体居群中，显 C-带的同源染色体数是 2 的倍数，而不是 4 或 6 的倍数，即通过配对一般只能找到 2 条完全相同的显 C-带的同源染色体。花粉母细胞在减数分裂中期 I 的染色体配对（图版 I：1）表明：四倍体及六倍体居群一般只形成二价体，极少形成四价体或六价体。以上结果都反映出该地区的四倍体和六倍体是异源多倍体，即它们是由不同的二倍体亲本杂交后再通过自然加倍形成的。

（4）据我们对金沙江中游地区的调查，除红山茶植物外，该地还有五柱滇山茶（*C. yunanensis*）和连蕊茶等。五柱滇山茶是少数几个原始的山茶种类之一，该种的子房 5 室，花柱 5 条、离生。值得指出的是，这里的红山茶植物中，如罗吉山居群、青杠板居群和小宝鼎居群等也具 5 室子房，有些居群甚至有花柱和子房退化的现象。这些特征在其他地区的红山茶中是没有先例的。较为合理的解释是，五柱滇山茶参与了多倍体红山茶的形成，因为在山茶属中只有五柱滇山茶等少数较原始的种类才具有 5 个离生的花柱。

（4）金沙江中游地区的红山茶植物有多种倍性，在外部形态上，一般只能将它们分为花丝有毛和无毛两大类，且在花丝有毛的类群中，毛被的多少也有变异。从其它性状来看，居群间呈连续变异。会理茶花山居群的二倍体与四倍体很难区分，其他不同产地的四倍体居群与四倍体居群及四倍体居群与六倍体居群也很相似。如果说有区别的话，那就是有些居群的花色浓些，另一些居群的花色淡些，或者就是雄蕊花丝上的毛被在多少上有些差异。张宏达等在金沙江中游地区发表了 21 个红山茶新种，特别值得一提的是，他们在盐边县国胜乡的同一山坡上发表了 5 个新种，而他们进行分类的主要依据就是雄、雌蕊上的毛被和花色，很显然，他们忽视了野外生境对红山茶植物的形态变异的影响。因此，我们认为将该地区的红山茶植物划分为如此众多的新种是值得商榷的，一些性状稳定且可以区分的类群宜做为种下等级处理。

参 考 文 献

刘恒生，张云忠，向国喜等，1991. 四川红山茶的新分类群. 中山大学学报（自然科学版），**30**(1): 72

张宏达，1981. 山茶属植物的系统研究. 中山大学学报论丛（1），1

张宏达，1990. 金沙江流域的红山茶新种. 中山大学学报（自然科学版），**29**(2): 85

顾志建，夏丽芳，谢立山等，1988. 中国部分山茶属植物的染色体数目报告. 云南植物研究，**10**(2): 296

夏丽芳，顾志建，王仲朗等，1994. 探讨云南山茶起源的一线曙光. 云南植物研究，**16**(3): 255

黄少甫，赵治芬，1984. 浙江红山茶的核型分析. 广西植物，**4**: 285

黄少甫，赵治芬，1986. 南山茶的核型分析. 亚林科技，**12: 1**

Gu Z, Kondo K, Na H, *et al.*, 1988. Akaryotype study in four species of *Camellia*, Section *Camellia*. *La Kromosmo* II-49: 1575

Gu Z, Xiao T, Xia L, *et al.*, 1990. A comparative study in giemsa C-banded karyptypes of four species of *Camellia*, section *Camellia*. *La Kromosomo*, II-59-60: 2025

Gu Z, Xiao T, Xia L, *et al.*, 1992. Karyotypes of eight species and one variety of *Camellia* from Hunan Province, China. *La Kromosomo*, II-65: 2189

Kondo K, 1975. Cytological studies in cultivated species of *Camellia*, Ph D Dissert Univ. N. C., Chapel. Hill.

Kondo K, Gu Z, Na H, *et al.*, 1986. A cytological studies of *Camellia reticulata* and its closely related spcies in Yunnan, China. *La Kromosomo*, II-43-44: 1405

Levan A, Fedge K, Sanberg A A, 1964. Nomenclature for cantromeric position of chromosomes. *Hereditas*, **52:** 201

Taniguchi K, Tanaks R, Yonezawa Y, *et al.*, 1975. Types of banding patterns of plant chromosomes by modified BSG method(in Japanese). *La Kromosomo*, Ⅰ-1000: 3123

Xiao T, Gu Z, Xia L, *et al.*, 1991. A karyomorphological study of ten speices of Chinese *Camellia*. *La Kromosomo*, Ⅱ-61: 2051

图版说明

图版Ⅰ

1. 青杠板居群，花粉母细胞在减数分裂中期Ⅰ形成30个二价体；3. 东巴湾居群，体细胞有丝分裂中期的染色体；2,4,5,6,7. 体细胞中期的Giemsa C-带；2. 茶花山居群；4. 小宝鼎居群；5. 箐河居群；6. 牦牛山居群；7. 红岩居群

图版Ⅱ～Ⅳ

1. 东巴湾居群的核型

2～12. 各居群体细胞有丝分裂中期的Giemsa C-带带型及模式图

2. 罗吉山居群；3. 箐河居群；4. 渡口居群；5. 茶花山居群(二倍体)；6. 茶花山居群(四倍体)；7. 羊窝子居群；8. 红岩居群；9. 青杠板居群；10. 东巴湾居群；11. 牦牛山居群；12. 小宝鼎居群

Explanation of Plates

Plate Ⅰ

1. The population from Qinggangban formed 30 bivalents at metaphase Ⅰ of its meosis; 3. The chromosomes at mid-metaphase in somatic cells of Dongbawan population; 2,4,5,6,7. Giemsa C-bands at metaphase in somatic cells;

2. Chahuashan population; 4. Xiaobaoding population; 5. Qinghe population;

6. Maoniushan population; 7. Hongyan population

Plate Ⅱ～Ⅳ.

1. the karyotypes at midmetaphase in somatic cells of Dongbawan population.

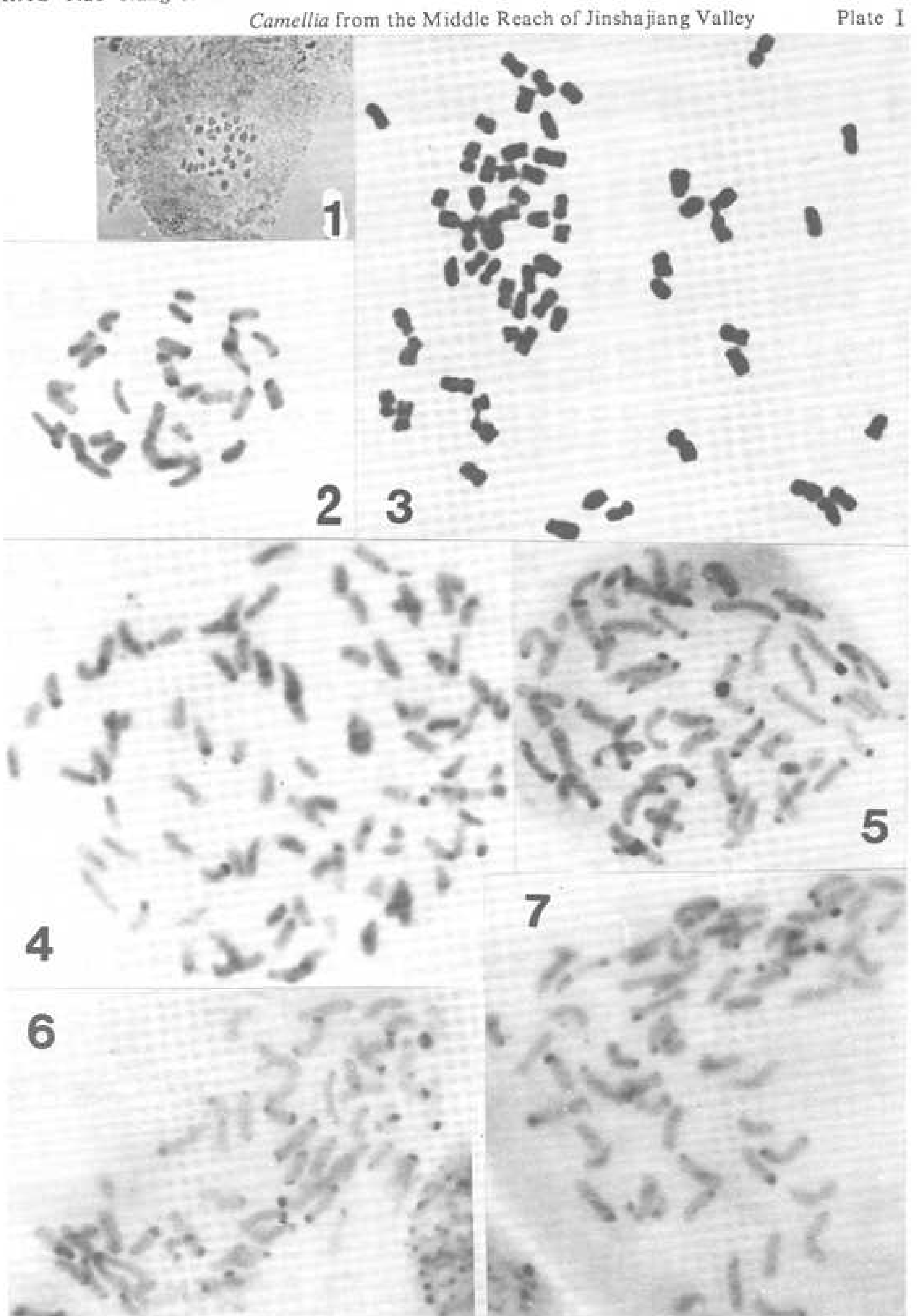
2～12. Giemsa C-banding patterns and their idiograms at mid-metaphase in somatic cells.

2. Luojishan population; 3. Qinghe population; 4. Dukou-Huili population;

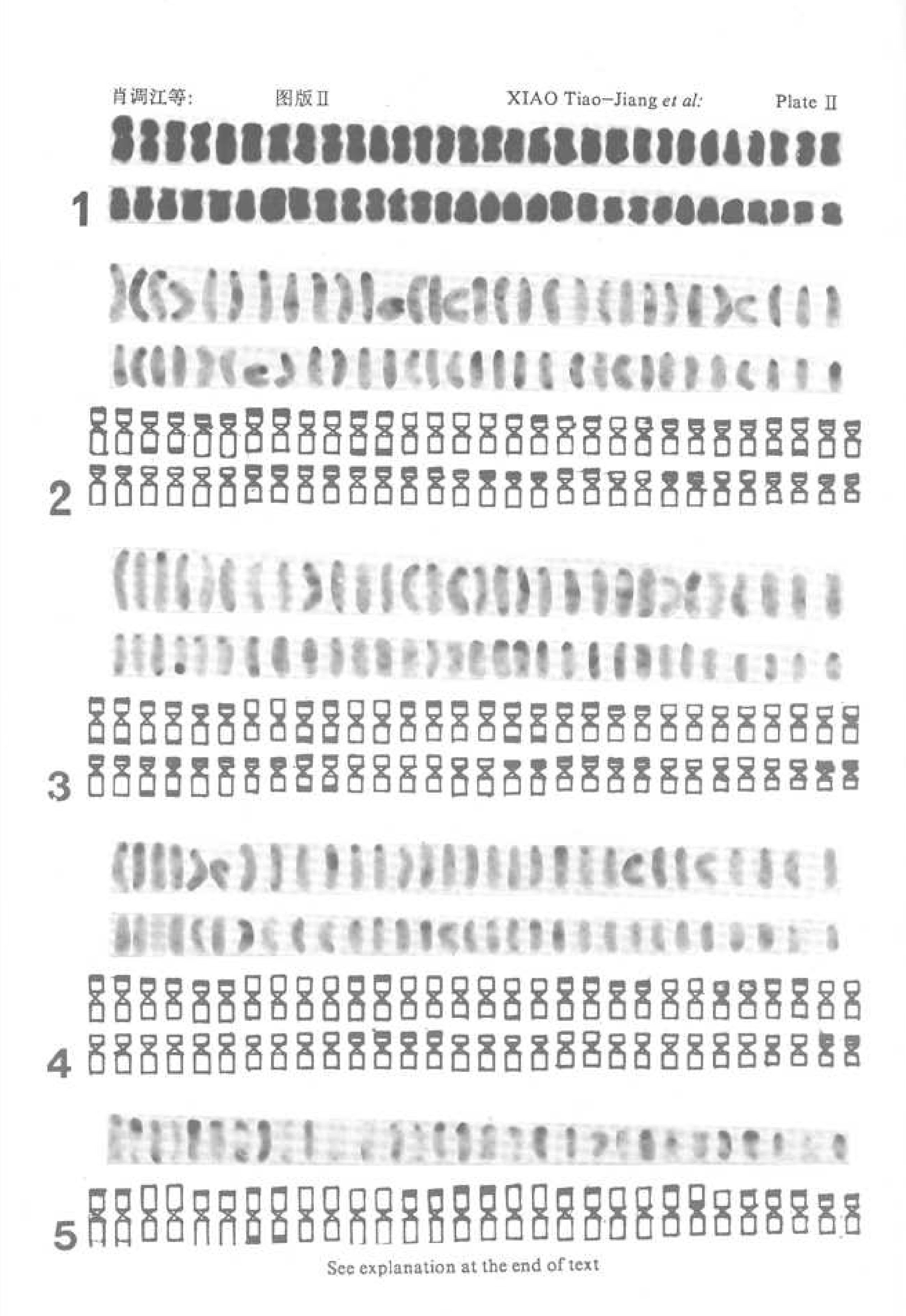
5. Chahuashan population (diploid); 6. Chahuashan population (tetraploid);

7. Yangwozi population; 8. Hongyan population; 9. Qinggangban population;

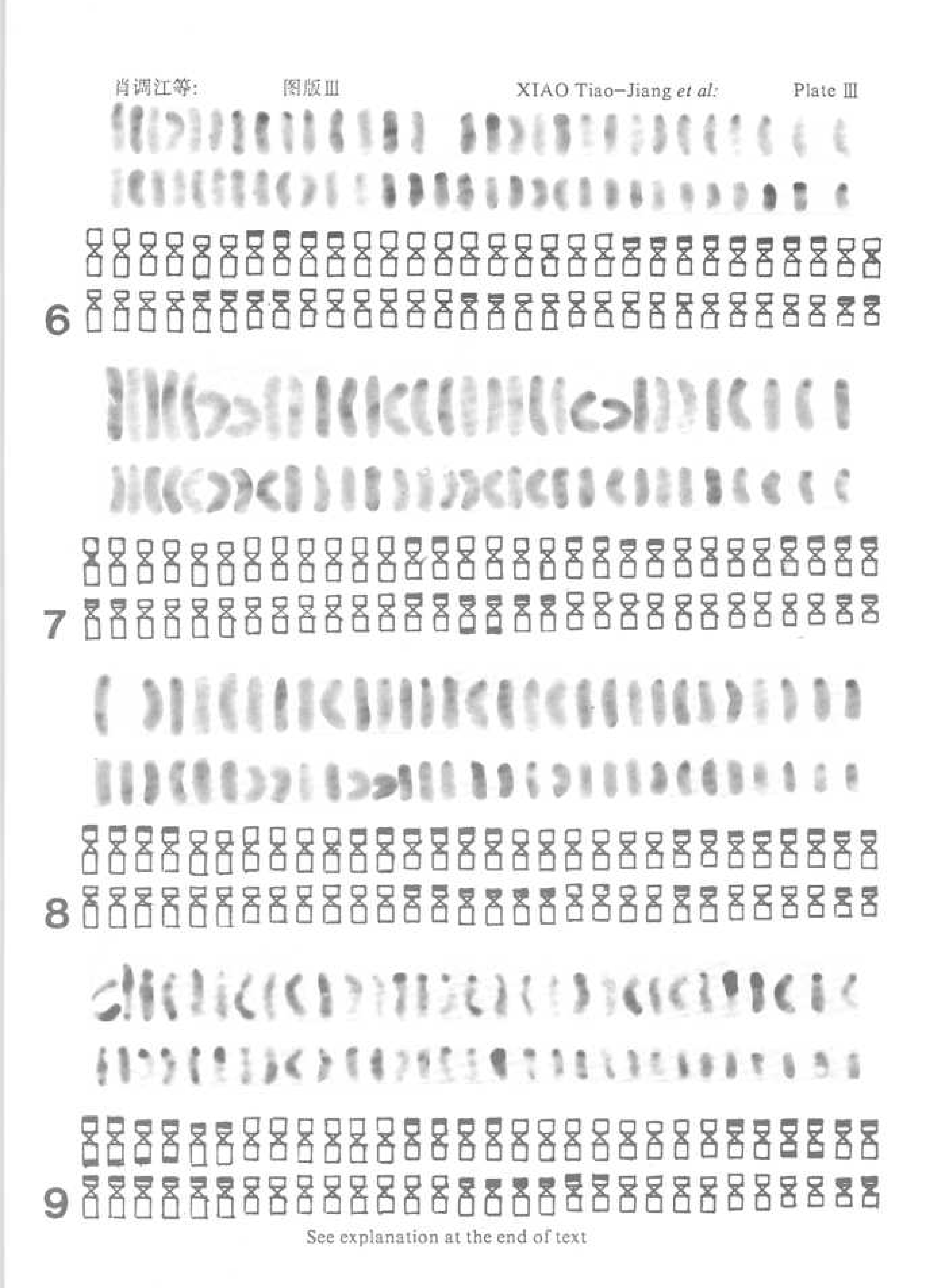
10. Dongbawan population; 11. Maoniushan population; 12. Xiaobaoding population.



See explanation at the end of text

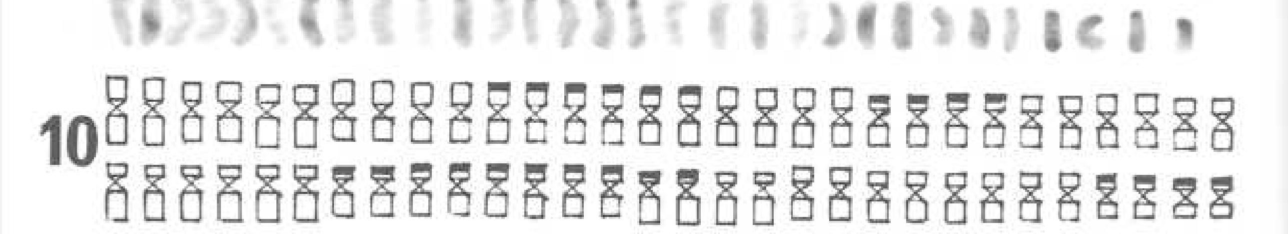


See explanation at the end of text



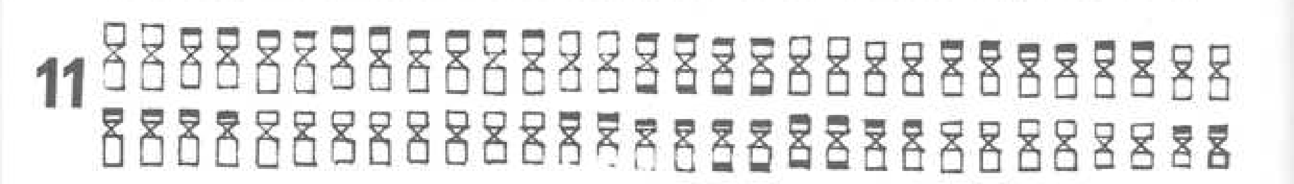
See explanation at the end of text

10

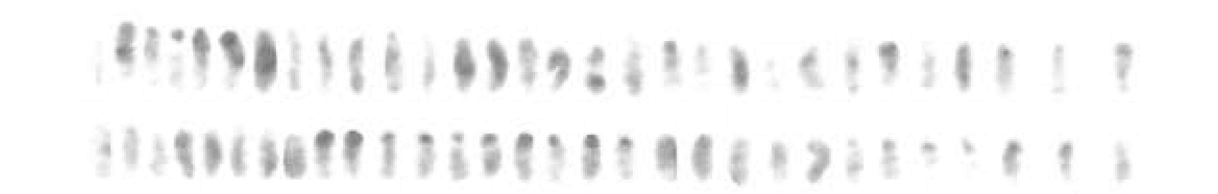


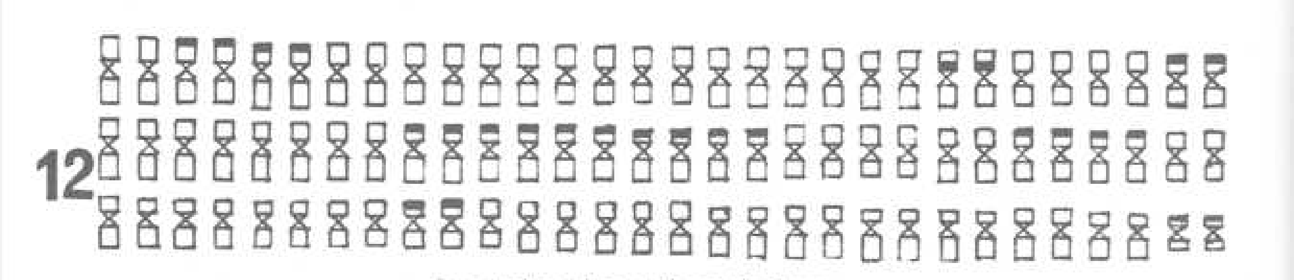
11





12





See explanation at the end of text